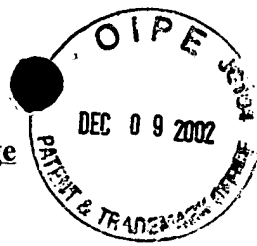


[GeneStream align Home Page](#)[align Search Help](#)

RECEIVED

DEC 10 2002

TECH CENTER 1600/2900

align Results

Please site: *Pearson, W.R., Wood, T., Zhang, Z., and Miller, W. (1997)*
Comparison of DNA sequences with protein sequences, Genomics 46: 24-36

```

> _ HopPtoA                                486 aa vs.
> _ HopPtoA2                              487 aa
scoring matrix: , gap penalties: -12/-2
78.2% identity;      Global alignment score: 2384

      10      20      30      40      50      60
840141 MHINRRVQQPPVTATDSFRTASDASLASSSVRSVSSDQQREINAIADYLTDHVFAAHKLP
      ..... : .....
      MHINQSAQQPPGVAMESFRTASDASLASSSVRSVSTTSCRDLQAITDYLKHHVFAAHRFS
      10      20      30      40      50      60

      70      80      90      100     110     120
840141 PADSADGQAAVDVHNAQITALIETRASRLHFEGETPATIADTFKAKEKLDRLATTTSGAL
      : : . : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      VIGSPDERDAALAHNEQIDALVETRANRLYSEGETPATIAETFAKAEKFDRLATASSAF
      70      80      90      100     110     120

      130     140     150     160     170     180
840141 RATPFAMASLLQYMQPAINKGDWLPAPLKPLTPLISGALSGAMDQVGTKMMDRATGDLHY
      . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      ENTPFAAASVLQYMQPAINKGDWLATPLKPLTPLISGALSGAMDQVGTKMMDRARGDLHY
      130     140     150     160     170     180

      190     200     210     220     230     240
840141 LSASPDRLHDAMAASVKRHSPLARQVLDTGVAVQTYSA RNAVRTVLAPALASRPVQGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      LSTSPDKLHDAMAVSVKRHSPALGRQVVDMGIAVQTF SALNVVRTVLAPALASRPSVQGA
      190     200     210     220     230     240

      250     260     270     280     290     300
840141 VDLGVSMAGGLAANAGFGNRLLSVQSRDHQRGALVLGLKDKEPKAQLSEENDWLEAYKA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      VDFGVSTAGGLVANAGFGDRMLSQSRDQLRGGAFLGMDKEPKAALSEETDWL DAYKA
      250     260     270     280     290     300

      310     320     330     340     350     360
840141 IKSASYSGAALNAGKRMAGLPLDMATDAMAVRSLVSASSLTQNGLALAGGFAGVGK LQE
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      IKSASYSGAALNAGKRMAGLPLDVATDGLKAVRSLVSATSLTKNGLALAGGYAGVSKLQK
      310     320     330     340     350     360

      370     380     390     400     410     420
840141 MATKNITDPATKA AVSQLTNLAGSAAVFAGWTTAALTTPAVKKAESFIQDTV KSTASST

```

```

      .....
      MATKNITDSATKAAVSQLSNLVGSVGVFAGWTTAGLATDPAVKKAESFIQDKVKSTASST
      370      380      390      400      410      420
      430      440      450      460      470
840141 TGYVADQTVKLAKTVKDMGGEAITHTGASLRNTVNNLRQRPAREADIEEGGTAA-SPSEI
      ..... : : : :
      TSYVADQTVKLAKTVKDMSGEAISSTGASLRSTVNNLRHRSAPREADIEEGGISAFSRSET
      430      440      450      460      470      480

      480
840141 PFRPMRS
      :. :
      PFQLRRL

```

Elapsed time: 0:00:00